

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2004年2月26日 (26.02.2004)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 2004/016814 A1

(51) 国際特許分類⁷: C12Q 1/68, C12N 15/09, G01N 33/50

(21) 国際出願番号: PCT/JP2003/001475

(22) 国際出願日: 2003年2月13日 (13.02.2003)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願2002-235029 2002年8月12日 (12.08.2002) JP

(71) 出願人(米国を除く全ての指定国について): 滋賀医科大学が代表する日本国 (JAPAN AS REPRESENTED BY SECRETARY OF SHIGA UNIVERSITY OF MEDICAL SCIENCE) [JP/JP]; 〒520-2192 滋賀県 大津市瀬田月輪町 Shiga (JP).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人(米国についてのみ): 佐藤 浩 (SATO,Hiroshi) [JP/JP]; 〒525-0072 滋賀県 草津市 笠山7丁目3番D-301号 Shiga (JP). 藤山 佳秀 (FUJIYAMA,Yoshihide) [JP/JP]; 〒520-0865 滋賀県 大津市 南郷2丁目41-22 Shiga (JP). 山本 和雄 (YAMAMOTO,Kazuo) [JP/JP]; 〒520-3034 滋賀県 粟東市 小平井24-8 Shiga (JP).

(74) 代理人: 庄司 隆 (SHOJI,Takashi); 〒101-0032 東京都 千代田区岩本町3丁目2番10号 SN岩本町ビル6階 Tokyo (JP).

(81) 指定国(国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) 指定国(広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許 (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, SI, SK, TR), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

規則4.17に規定する申立て:

- すべての指定国ための不利にならない開示又は新規性喪失の例外に関する申立て (規則4.17(v))

添付公開書類:

- 国際調査報告書
- 不利にならない開示又は新規性喪失の例外に関する申立て

2文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイドスノート」を参照。

(54) Title: METHOD OF ESTIMATING DRUG METABOLIC ACTIVITY BY ANALYZING MUTATIONS IN GLUCURONOSYL TRANSFERASE GENE

(54) 発明の名称: グルクロン酸転移酵素遺伝子の変異解析による薬剤代謝活性の予測方法

(57) Abstract: It is intended to provide a method of judging, estimating or examining drug metabolism by effectively detecting mutations in a gene encoding UGT. Since a gene encoding UGT is made up of 5 exons and exons 2 to 5 are common in each UGT1 isoform, effective mutations in the UGT1 gene is examined by examining mutations in the common regions (in particular, mutations in the exon 5) and further detecting mutations in plural exon regions. To examine the mutations, use is made of nucleic acid chips with nucleic acid probes.

(57) 要約: 本発明の課題はUGTをコードする遺伝子の変異を有効的に検出することにより、薬剤代謝の判定、予測又は検査方法を提供することである。UGTをコードする遺伝子が5個のエキソンから成り、エキソン2～5領域はUGT1のアイソフォーム毎に共通の領域であることから、共通領域の変異、とりわけエキソン5領域の変異を検査し、さらに複数のエキソン領域の変異検出を加えることにより、効果的なUGT1遺伝子の変異を検査する。変異検査の手段としては、核酸プローブを用いた核酸チップが用いられる。

WO 2004/016814 A1

BEST AVAILABLE COPY